

Fig. 1

Fig

ICTB : 1	ATGACTGTCTGGCAAACTCTGACATTTTGGCCCATTTACCAACCCCCAACAGTGGGGCCACAGC	60 (SEQ ID NO:2)
SLR : 13	ATCTCTATCTGGCGATCGCTGATGTTTGCGGGTTTTTCCCCCCCAGGAATGGGCCCGGGGC	72 (SEQ ID NO:4)
ICTB : 61	AGTTTCTTGTCATCGGCTGTTTGGCAGCCTGC-GAGCTTGGCGGGCCTCCAGCCAGCTGTT	119
SLR : 73	AGTGTCTCCATCGTTTGTGGCTGGGACAGAG-TTGGATAACAGGCTAGTGTGCTCTG	131
ICTB : 120	GGTTTGGTCTGAGGCACCTGGT--GGCTTCTTGTCTTGTCTGTCTACGGTTCTGGGCTCCG	177
SLR : 132	GCCCCACTTCGAGGCATTGGGTACGGCT-CTAG-TGGCAATAATTTTATTGCGGGCTCCC	189
ICTB : 178	TTTGTGCCCAGTTCCGCCCTAGGGTTGGGGCTAGCCGCGATCGCG-GCCTATTGGGCCCT	236
SLR : 190	TTCACCTCCACCACCATGTTGGGCATTTTAT-GCTGCTCTGTGAGGCCCTTTTGGGCTCT	248
ICTB : 237	GCTCTCGCTGACAGATATCGATCTGCGGGCAAGCA--ACCCCCATTCACTGGCTGGTGT	293
SLR : 249	GCTGACCCTTTGCTGAT--CAACCAG-GGAAGGGTTTGACTCCCATCCATGTTTTAGTTTT	305
ICTB : 294	GCTCTACTGGGGCGTCGATGCCCTAGCAACGGGACTCTCACCCGTACGGCTGCAGCTTT	353
SLR : 306	TGCCCTACTGGTGCAATTCGGCGATCGCCGTGGGATTTTCTCCGGTAATAAATGGCGGGGC	365
ICTB : 354	AGTTGGGCTAGCCAAACTGAC-GCTC-TACCTGTTGGTTTTTGCCCTAGCGGCTCGGGTT	411
SLR : 366	GTCGGGGTTAGCGAAATTAACAGCTAATTTATGTCTGTTTCTTAC--TGCCCGCGGAGGTTA	423
ICTB : 412	CTCCGCAATCCCCGTCTGC-GATCGCTGCTGTTCTCGGTCTGTCGTGATCACATCGCTTTT	470
SLR : 424	TTGCAAAACAACAATGGTTGAAC-CGGTTAGTAACCGTTGTTTTACTGGTAGGGCTATT	482

Fig. 2

ICTB : 471 TGTACAGTGTCTACGGCCTCAACCAATGGATCTACGGCGTTGAACAGCTGGCGACTTGGGT 530
 SLR : 483 GGTGGGGAGTTACGGTCTCGGACAACAGGTGGACGGGTAGAACAGTTAGCCACTTGGAA 542

ICTB : 531 GGATCGCAACTCGGTTGCCGACTTCACCTCAGGGTTTACAGCTATCTGGGCAACCCCAA 590
 SLR : 543 TGACCCACCTCTACCTTGGCCAGGCCACTAGGGTATATAGCTTTTATAGGTAATCCCAA 602

ICTB : 591 CCTGTGGCTGCTTATCTGGTGCCGACGACTGCCTTTT-CTGCAGCAGCGATCGGGGTGT 649
 SLR : 603 TCTCTTGGCGGCTTACCTGGTGCCCATGACGGGTTTGAGCTTGAGT-GCCCTGGTGGTAT 661

ICTB : 650 GGCGCGGCTGGCTCCCCAAGCTGCTGGCGATCG-CTGCGACAGGTGCGAGCAGCTTATGT 708
 SLR : 662 GGCGACGGTGGTGGCCCCAACTGCTGG-GAGCAACCATGSGTGATTGTTAACCTACTCTGT 720

ICTB : 709 CTGATCCTCACCTACAGTCGCGGTGGCTGGGTTTGTGCGCCATGATTTTGTCTGG 768
 SLR : 721 CTCCTTTTACCCAGAGCCGGGCGGTTGGCTAGCAGTGCTGGCCCTGGGAGCTACCTTC 780

ICTB : 769 GCGTTATTAGGGCTCTACTGGTTTCAACCCCGTCTACCCGCCACCCCTGGCGACGCTGGCTA 828
 SLR : 781 CTGGCCCTTTGTTACTTCTGCTGGTTACCCCAATTACCCCAAATTTTGGCAACGGTGGTCT 840

ICTB : 829 TTCCCAGTCGCTATTGGGTGGACTAGTCGCGGTGCTCTT-GGTGGCGGTGCTTGGACT--- 884
 SLR : 841 TTGCCCCCTGGC----GATCGCC--GTGGCGGTTATATTAGTGGGGGAGCGTTGATTGCG 894

ICTB : 885 -TG-AGCCGTTGCGCGTGCCTGTTGAGCATCTTTGTGGGGCGTGAAGACAGCAGCAAC 942
 SLR : 895 GTGGAACCGATTGCGACTCAGGGCCATGAGCATTTTGTCTGGCGGGGAAGACAGCAGTAAT 954

Fig. 2
(Continued)

ICTB : 943 AACTTCGGATCAATGTCTGGCTGGCGGTGCTGCAGATGATTCAAGATCGGCCTTGGCTG 1002
 SLR : 955 AATTTCGGCATCAATGTTTGGGAAGGGGTAAAGCCATGATCCGAGCCCGCCCTATCATTT 1014

ICTB : 1003 GGCATCGGGCCCCGGCAATACCGCCTTTAAACCTGGTTTATCCCCCTCTATCAACAGGCGCG 1062
 SLR : 1015 GGCATTGGCCCCAGGTAAACGAAGCCTTTAACCAGATTTATCCTTACTATATGCGGCCCGC 1074

ICTB : 1063 TTTACGGCGTTGAGCGCCTACTCCGTCCGGCTGGAAGTCGCGGTTGAGGGCGGACTACTG 1122
 SLR : 1075 TTCACCGCCCTGAGTGCCTATTCCATTACCTAGAGAAATTTGTGGAAACGGGTGTAGTT 1134

ICTB : 1123 GGCTTGA-CGGCCTTCGCTTGGCTGCT-GCTGGTCACGGCGGTGACGGCGGTGCGGCAGG 1180
 SLR : 1135 GGTTTTACCTGTATGCTC-TGGCTGTGGCCGTTACCCCTAGGCCAAAGGC-GTAGAACTGG 1192

ICTB : 1181 TGAGCCGACTGCGGCGCGATCGCAATCCCC--AAGCCTTTTGGTTGATGCTAGCTTGGC 1238
 SLR : 1193 TTAAACG-CTGTGCG-CAAAACCTCGCCCCCGAAGSCATCTGGATTATGGGGGCTTTAGC 1250

ICTB : 1239 CGGTTTGGCAGGAATGCTGGGTACGGTCTGTTTGATACCGTGCTCTATCGACCGGAAGC 1298
 SLR : 1251 GGCGATCATCGGTTTGTGGTCCACGGCATGGTAGATACAGTCTGTGTACCGTCCCCCGGT 1310

ICTB : 1299 CAGTACGCTCTGGTGGCTCTGTATTGG--AGCGATCGCGAGTTTCTGG--CAGC-CCCCA 1353
 SLR : 1311 GAGCACTTTGTGGTGG-TTGCTAGTGGCCATTG-TTGCTAGTCACTGGGCCAGCGGCCAG 1368

ICTB : 1354 CCTTCCARGCAACTCCCTCCAGAACCGGAGCATTCAGACGAA 1395
 SLR : 1369 GCCCGTTTGGAGGCCAGTAAAGAA---GAAATGAGGACAAA 1407

Fig. 2
(Continued)

+++W++L F + PQ+WG S LHRL G ++N +S L EALG L+A+++ +APF
 SLR : 5 ISIWRSLMFGGSPQEWGRGSLHRLVGVWGQSWIQASVLNPHFEALGTALVAIFIAPF 64

 ICTB : 61 VPSSALGLGLAAIAAYWALLSLTDIDLQATPIHMLVLLYNGVDALATGLSPVRAALVG 120
 ++ LG+ + A+WALL+ D + TPIH LV YW + A+A G SPV+ AA G
 SLR : 65 TSTTMLGIFMLLCCAFWALLTFADQPGKGLTPIHVLVFAYWCISAIAVGFSPVKMAAASG 124

 ICTB : 121 LAKLTLYLLVPALAAARVLNPNRLSLFSVVVITSFVSVYGINQMIYGVEELATWVDNR 180
 LAKLT L +F LAAR+L+N + + L +VV++ L V YGL Q + GVE+LATW D
 SLR : 125 LAKLTANLCLFLLAARLLQKNLRLVTVLLVGLLVGSYGLRQQVDGVEQLATWNDPT 184

 ICTB : 181 SVADFTSRVSYLGNPNLLAAAYLVPTTAFSAAGVWRGWLPKLLAIAATGASSLCLILT 240
 S +RVYS+LGNPNLLAAAYLV T S +A+ VWR W PKLL + LCL T
 SLR : 185 STLAQATRVYSFLGNPNLLAAAYLVPMTGLSLSALVVWRRWPKLLGATWIVVNLCLFFT 244

 ICTB : 241 YSRGCGNLGFVAMIFVWALLGLYWFQPRLPAPWRRNLFVVGLGVALLVAVLGLLEPLRV 300
 SRGGL +A+ + L +W+ P+LP W+RW P+ + V + A++ +EP+R+
 SLR : 245 QSRGGLAVLALGATFLALCYFWLPLQPKFWQRNSLPLAIAVAVILGGGALIAVEPIRL 304

 ICTB : 301 RVLSEIFVGREDSSNNFRINWLAVLQMIQDRPWLIGIGPGNTAFNLVPLYQQARFTALSA 360
 R +SIF GREDSSNNFRINW V MI+ RP +GIGPGN AFN +YP Y + RFTALSA
 SLR : 305 RAMSIFAGREDSSNNFRINWEGVKAMIRARPIIGIGPGNEAFNQIYPYTMRRPFTALSA 364

 ICTB : 361 YSVPLEVAVEGGLLGLTAFANLLLVTAVTAVRQVSRLLRRDRNPQAFWLMASLAGMLG 420
 YS+ LE+ VE G++G T WLL VT V V R R+ P+ W+M +LA + G+L
 SLR : 365 YSIYLEILVETGVWGFTCMLWLLAVTLGKGVELVKRCRQTLAPEGIWMGALAAIIGLLV 424

 ICTB : 421 HGLFDTVLVYRPEASTLWNLICIGATASFQWQPQPSKQLPPEAEHSDEKM 467
 HG+ DTV YRP STLWNL + +AS W ++ + E+ D+ +
 SLR : 425 HGMVDTVWYRPPVSTLWLLVAIVASQWASQAARLEASKEENEDKPL 471

Fig. 3

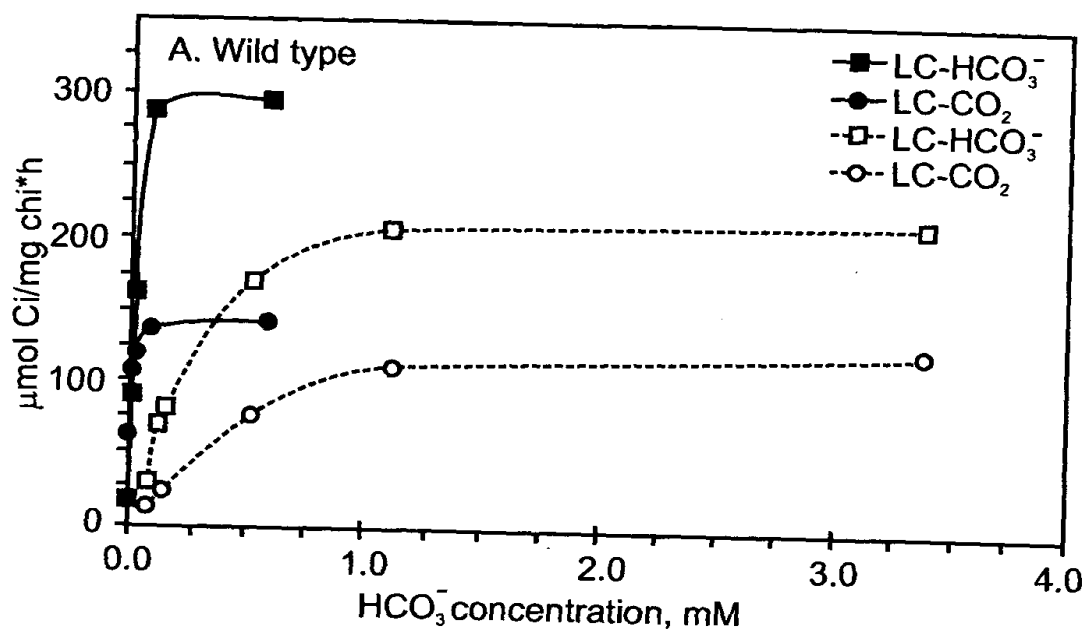


Fig. 4a

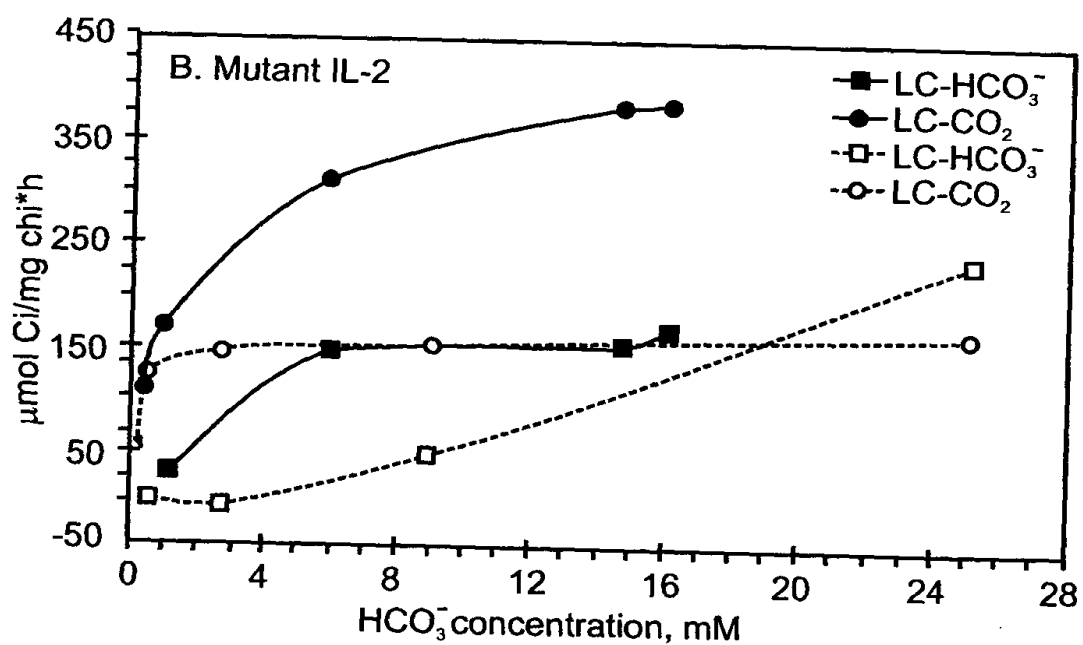


Fig. 4b

Wild type	GGGCT-AGCCGCGATCGCGGCCCTATTGGGCCC	(SEQ ID NO: 6)
IL-2 ApaI side	GGGCT-AG--G-GATCGC-GCCTATTGGGCCC	(SEQ ID NO: 7)
IL-2 BamHI side	GGGCTCA-----GATCGC-GCCTATTGGGCCC	(SEQ ID NO: 8)
IctB	G L A A I A A Y W A L	(SEQ ID NO: 9)

Fig. 5

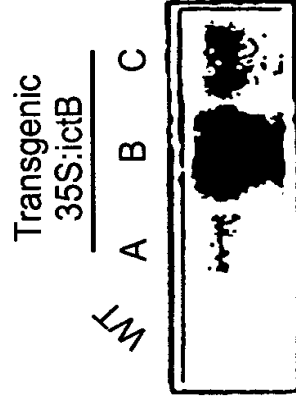


Fig. 6